09 DEC 02

09/833,790

Databases searched: USPATFULL via EAST, EUROPATFULL via EAST, CAplus, and Medline

Reviewed parent application(s): see the Bib data sheet

Search terms:

Inventor(s) : e.g. Lodes M?/au

The STIC performed a search of SEQ ID NO: 365.

SEQ ID NO: 365

```
RESULT 4
AAA97368
ID    AAA97368 standard; cDNA; 5277 BP.
XX
AC    AAA97368;
XX
DT    29-JAN-2001  (first entry)
XX
DE    Human colorectal cancer modulator protein BCN5 cDNA.
XX
KW    Colorectal cancer modulator protein; CCMP; human; expression profile;
KW    drug screening; diagnosis; prognosis; antibody; vaccine; BCN5;
KW    immunogenic; gene therapy; targetting moiety; CCMP inhibitor; tumour; ss.
XX
OS    Homo sapiens.
XX
PN    WO200055633-A2.
XX
PD    21-SEP-2000.
XX
PF    15-MAR-2000; 2000WO-US0704.
XX
PR    15-MAR-1999;   99US-0268866.
PR    09-NOV-1999;   99US-0435945.
PR    09-NOV-1999;   99US-0436983.
PR    29-NOV-1999;   99US-0450857.
PR    02-DEC-1999;   99US-0453850.
PR    28-JAN-2000;  2000US-0493444.
XX
PA    (EOSB-) EOS BIOTECHNOLOGY INC.
XX
PI    Mack D,  Gish KC,  Wilson KE;
XX
DR    WPI; 2000-638217/61.
XX
PT    Use of expression profiles, nucleic acids and proteins involved in
PT    colorectal cancer for diagnosis and prognosis of colorectal cancer and
PT    identifying candidate agent and/or targets which modulate colorectal
PT    cancer  -
XX
PS    Claim 1; Fig 45; 308pp; English.
XX
CC    The invention relates to the use of expression profile nucleic acids
CC    encoding colorectal cancer modulator proteins (CCMPs) for screening
CC    drug candidates and bioactive agents capable of binding and/or
CC    modulating CCMPs; for evaluating the effect of drugs for the treatment of
CC    colorectal cancer; for the diagnosis and prognosis of colorectal cancer;
CC    and as a target for colorectal cancer therapy. The expression profile
CC    nucleic acids used in the methods of the invention encode the CCMPs CZA8,
CC    BCX2, CBC2, CBC1, CBC3, CJA8, CJA9, CGA7, BCN5, CQA1, BCN7, CQA2, CAA2,
CC    CAA9 and CGA8. The CCMPs (especially CJA8 (AAB23166)) may be used in
CC    vaccine compositions, and also to raise antibodies for use as therapeutic
CC    agents, or targetting moieties for therapeutic agents in the treatment
CC    of colorectal cancer. Inhibitors of CCMP activity may also be used in
CC    the treatment of other tumours. CCMP nucleotides, especially those
CC    encoding CJA8, may be used in gene therapy, and in genetic vaccines.
CC    Sequences AAA97355-A97371 represent nucleic acid sequences encoding a
CC    variety of colorectal cancer modulator proteins.
```

SQ   Sequence 5277 BP; 1652 A; 1088 C; 1133 G; 1399 T; 5 other;

Query Match   99.9%; Score 4830.4; DB 21; Length 5277;
Best Local Similarity 99.9%; Pred. No. 0;
Matches 4828; Conservative   5; Mismatches   1; Indels   0; Gaps   0;

```
Qy     1 GATGTGGAGCTGGGGTCCCTGCAAGTCATGAACAAAACGAGAAAGATTATGGAACATGGG 60
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   416 GATGTGGAGCTCGGGTCCCTGCAAGTCATGAACAAAACGAGAAAGATTATGGAACATGGG 475

Qy    61 GGGGCCACCTTCATCAATGCCTTTGTGACTACACCCATGTGCTGCCCGTCACGGTCCTCC 120
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   476 GGGGCCACCTTCATCAATGCCTTTGTGACTACACCCATGTGCTGCCCGTCACGGTCCTCC 535

Qy   121 ATGCTCACCGGGAAGTATGTGCACAATCACAATGTCTACACCAACAACGAGAACTGCTCT 180
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   536 ATGCTCACCGGGAAGTATGTGCACAATCACAATGTCTACACCAACAACGAGAACTGCTCT 595

Qy   181 TCCCCCTCGTGGCAGGCCATGCATGAGCCTCGGACTTTTGCTGTATATCTTAACAACACT 240
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   596 TCCCCCTCGTGGCAGGCCATGCATGAGCCTCGGACTTTTGCTGTATATCTTAACAACACT 655

Qy   241 GGCTACAGAACAGCCTTTTTTGGAAAATACCTCAATGAATATAATGGCAGCTACATCCCC 300
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   656 GGCTACAGAACAGCCTTTTTTGGAAAATACCTCAATGAATATAATGGCAGCTACATCCCC 715

Qy   301 CCTGGGTGGCGAGAATGGCTTGGATTAATCAAGAATTCTCGCTTCTATAATTACACTGTT 360
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   716 CCTGGGTGGCGAGAATGGCTTGGATTAATCAAGAATTCTCGCTTCTATAATTACACTGTT 775

Qy   361 TGTCGCAATGGCATCAAAGAAAAGCATGGATTTGATTATGCAAAGGACTACTTCACAGAC 420
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   776 TGTCGCAATGGCATCAAAGAAAAGCATGGATTTGATTATGCAAAGGACTACTTCACAGAC 835

Qy   421 TTAATCACTAACGAGAGCATTAATTACTTCAAAATGTCTAAGAGAATGTATCCCCATAGG 480
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   836 TTAATCACTAACGAGAGCATTAATTACTTCAAAATGTCTAAGAGAATGTATCCCCATAGG 895

Qy   481 CCCGTTATGATGGTGATCAGCCACGCTGCGCCCCACGGCCCCGAGGACTCAGCCCCACAG 540
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   896 CCCGTTATGATGGTGATCAGCCACGCTGCGCCCCACGGCCCCGAGGACTCAGCCCCACAG 955

Qy   541 TTTTCTAAACTGTACCCCAATGCTTCCCAACACATAACTCCAGTTATAACTATGCACCA 600
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   956 TTTTCTAAACTGTACCCCAATGCTTCCCAACACATAACTCCTAGTTATAACTATGCACCA 1015

Qy   601 AATATGGATAAACACTGGATTATGCAGTACACACAGGACCAATGCTGCCCATCCACATGGAA 660
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1016 AATATGGATAAACACTGGATTATGCAGTACACACAGGACCAATGCTGCCCATCCACATGGAA 1075

Qy   661 TTTACAAACATTCTACAGCGCAAAAGGCTCCAGACTTTGATGTCAGTGGATGATTCTGTG 720
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1076 TTTACAAACATTCTACAGCGCAAAAGGCTCCAGACTTTGATGTCAGTGGATGATTCTGTG 1135

Qy   721 GAGAGGCTGTATAACATGCTCGTGGAGACGGGGGAGCTGGAGAATACTTACATCATTTAC 780
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1136 GAGAGGCTGTATAACATGCTCGTGGAGACGGGGGAGCTGGAGAATACTTACATCATTTAC 1195

Qy   781 ACCGCCGACCATGGTTACCATATTGGGCAGTTTGGACTGGTCAAGGGGAAATCCATGCCA 840
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1196 ACCGCCGACCATGGTTACCATATTGGGCAGTTTGGACTGGTCAAGGGGAAATCCATGCCA 1255
```

```
Qy    841  TATGACTTTGATATTCGTGTGCCTTTTTTTATTCGTGGTCCAAGTGTAGAACCAGGATCA  900
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1256  TATGACTTTGATATTCGTGTGCCTTTTTTTATTCGTGGTCCAAGTGTAGAACCAGGATCA  1315

Qy    901  ATAGTCCCACAGATCGTTCTCAACATTGACTTGGCCCCCACGATCCTGGATATTGCTGGG  960
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1316  ATAGTCCCACAGATCGTTCTCAACATTGACTTGGCCCCCACGATCCTGGATATTGCTGGG  1375

Qy    961  CTCGACACACCTCCTGATGTGGACGGCAAGTCTGTCCTCAAACTTCTGGACCCAGAAAAG  1020
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1376  CTCGACACACCTCCTGATGTGGACGGCAAGTCTGTCCTCAAACTTCTGGACCCAGAAAAG  1435

Qy   1021  CCAGGTAACAGGTTTCGAACAAACAAGAAGGCCAAAATTTGGCGTGATACATTCCTAGTG  1080
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1436  CCAGGTAACAGGTTTCGAACAAACAAGAAGGCCAAAATTTGGCGTGATACATTCCTAGTG  1495

Qy   1081  GAAAGAGGCAAATTTCTACGTAAGAAGGAAGAATCCAGCAAGAATATCCAACAGTCAAAT  1140
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1496  GAAAGAGGCAAATTTCTACGTAAGAAGGAAGAATCCAGCAAGAATATCCAACAGTCAAAT  1555

Qy   1141  CACTTGCCCAAATATGAACGGGTCAAAGAACTATGCCAGCAGGCCAGGTACCAGACAGCC  1200
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1556  CACTTGCCCAAATATGAACGGGTCAAAGAACTATGCCAGCAGGCCAGGTACCAGACAGCC  1615

Qy   1201  TGTGAACAACCGGGGCAGAAGTGGCAATGCATTGAGGATACATCTGGCAAGCTTCGAATT  1260
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1616  TGTGAACAACCGGGGCAGAAGTGGCAATGCATTGAGGATACATCTGGCAAGCTTCGAATT  1675

Qy   1261  CACAAGTGTAAAGGACCCAGTGACCTGCTCACAGTCCGGCAGAGCACGCGGAACCTCTAC  1320
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1676  CACAAGTGTAAAGGACCCAGTGACCTGCTCACAGTCCGGCAGAGCACGCGGAACCTCTAC  1735

Qy   1321  GCTCGCGGCTTCCATGACAAAGACAAAGAGTGCAGTTGTAGGGAGTCTGGTTACCGTGCC  1380
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1736  GCTCGCGGCTTCCATGACAAAGACAAAGAGTGCAGTTGTAGGGAGTCTGGTTACCGTGCC  1795

Qy   1381  AGCAGAAGCCAAAGAAAGAGTCAACGGCAATTCTTGAGAAACCAGGGGACTCCAAAGTAC  1440
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1796  AGCAGAAGCCAAAGAAAGAGTCAACGGCAATTCTTGAGAAACCAGGGGACTCCAAAGTAC  1855

Qy   1441  AAGCCCAGATTTGTCCATACTCGGCAGACACGTTCCTTGTCCGTCGAATTTGAAGGTGAA  1500
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1856  AAGCCCAGATTTGTCCATACTCGGCAGACACGTTCCTTGTCCGTCGAATTTGAAGGTGAA  1915

Qy   1501  ATATATGACATAAATCTGGAAGAAGAAGAAGAATTGCAAGTGTTGCAACCAAGAAACATT  1560
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1916  ATATATGACATAAATCTGGAAGAAGAAGAAGAATTGCAAGTGTTGCAACCAAGAAACATT  1975

Qy   1561  GCTAAGCGTCATGATGAAGGCCACAAGGGGCCAAGAGATCTCCAGGCTTCCAGTGGTGGC  1620
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1976  GCTAAGCGTCATGATGAAGGCCACAAGGGGCCAAGAGATCTCCAGGCTTCCAGTGGTGGC  2035

Qy   1621  AACAGGGGCAGGATGCTGGCAGATAGCAGCAACGCCGTGGGCCCACCTACCACTGTCCGA  1680
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2036  AACAGGGGCAGGATGCTGGCAGATAGCAGCAACGCCGTGGGCCCACCTACCACTGTCCGA  2095

Qy   1681  GTGACACACAAGTGTTTTATTCTTCCCAATGACTCTATCCATTGTGAGAGAGAACTGTAC  1740
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2096  GTGACACACAAGTGTTTTATTCTTCCCAATGACTCTATCCATTGTGAGAGAGAACTGTAC  2155
```

```
Qy   1741 CAATCGGCCAGAGCGTGGAAGGACCATAAGGCATACATTGACAAAGAGATTGAAGCTCTG 1800
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2156 CAATCGGCCAGAGCGTGGAAGGACCATAAGGCATACATTGACAAAGAGATTGAAGCTCTG 2215

Qy   1801 CAAGATAAAATTAAGAATTTAAGAGAAGTGAGAGGACATCTGAAGAGAAGGAAGCCTGAG 1860
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2216 CAAGATAAAATTAAGAATTTAAGAGAAGTGAGAGGACATCTGAAGAGAAGGAAGCCTGAG 2275

Qy   1861 GAATGTAGCTGCAGTAAACAAAGCTATTACAATAAAGAGAAAGGTGTAAAAAAGCAAGAG 1920
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2276 GAATGTAGCTGCAGTAAACAAAGCTATTACAATAAAGAGAAAGGTGTAAAAAAGCAAGAG 2335

Qy   1921 AAATTAAAGAGCCATCTTCACCCATTCAAGGAGGCTGCTCAGGAAGTAGATAGCAAACTG 1980
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2336 AAATTAAAGAGCCATCTTCACCCATTCAAGGAGGCTGCTCAGGAAGTAGATAGCAAACTG 2395

Qy   1981 CAACTTTTCAAGGAGAACAACCGTAGGAGGAAGAAGGAGAGGAAGGAGAAGAGACGGCAG 2040
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2396 CAACTTTTCAAGGAGAACAACCGTAGGAGGAAGAAGGAGAGGAAGGAGAAGAGACGGCAG 2455

Qy   2041 AGGAAGGGGGAAGAGTGCAGCCTGCCTGGCCTCACTTGCTTCACGCATGACAACAACCAC 2100
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2456 AGGAAGGGGGAAGAGTGCAGCCTGCCTGGCCTCACTTGCTTCACGCATGACAACAACCAC 2515

Qy   2101 TGGCAGACAGCCCCGTTCTGGAACCTGGGATCTTTCTGTGCTTGCACGAGTTCTAACAAT 2160
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2516 TGGCAGACAGCCCCGTTCTGGAACCTGGGATCTTTCTGTGCTTGCACGAGTTCTAACAAT 2575

Qy   2161 AACACCTACTGGTGTTTGCGTACAGTTAATGAGACGCATAATTTTCTTTTCTGTGAGTTT 2220
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    256 AACACCTACTGGTGTTTGCGTACAGTTAATGAGACGCATAATTTTCTTTTCTGTGAGTTT 2635

Qy   2221 GCTACTGGCTTTTTGGAGTATTTTGATATGAATACAGATCCTTATCAGCTCACAAATACA 2280
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2636 GCTACTGGCTTTTTGGAGTATTTTGATATGAATACAGATCCTTATCAGCTCACAAATACA 2695

Qy   2281 GTGCACACGGTAGAACGAGGCATTTTGAATCAGCTACACGTACAACTAATGGAGCTCAGA 2340
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2696 GTGCACACGGTAGAACGAGGCATTTTGAATCAGCTACACGTACAACTAATGGAGCTCAGA 2755

Qy   2341 AGCTGTCAAGGATATAAGCAGTGCAACCCAAGACCTAAGAATCTTGATGTTGGAAATAAA 2400
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2756 AGCTGTCAAGGATATAAGCAGTGCAACCCAAGACCTAAGAATCTTGATGTTGGAAATAAA 2815

Qy   2401 GATGGAGGAAGCTATGACCTACACAGAGGACAGTTATGGGATGGATGGGAAGGTTAATCA 2460
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2816 GATGGAGGAAGCTATGACCTACACAGAGGACAGTTATGGGATGGATGGGAAGGTTAATCA 2875

Qy   2461 GCCCCGTCTCACTGCAGACATCAACTGGCAAGGCCTAGAGGAGCTACACAGTGTGAATGA 2520
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2876 GCCCCGTCTCACTGCAGACATCAACTGGCAAGGCCTAGAGGAGCTACACAGTGTGAATGA 2935

Qy   2521 AAACATCTATGAGTACAGACAAAACTACAGACTTAGTCTGGTGGACTGGACTAATTACTT 2580
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2936 AAACATCTATGAGTACAGACAAAACTACAGACTTAGTCTGGTGGACTGGACTAATTACTT 2995

Qy   2581 GAAGGAGATTTAGATAGAGTATTTGCACTGCTGAAGAGTCACTATGAGCAAAATAAAACAAA 2640
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2996 GAAGGAGATTTAGATAGAGTATTTGCACTGCTGAAGAGTCACTATGAGCAAAATAAAACAAA 3055
```

```
Qy   2641 TAAGACTCAAACTGCTCAAAGTGACGGGTTCTTGGTTGTCTCTGCTGAGCACGCTGTGTC 2700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3056 TAAGACTCAAACTGCTCAAAGTGACGGGTTCTTGGTTGTCTCTGCTGAGCACGCTGTGTC 3115

Qy   2701 AATGGAGATGGCCTCTGCTGACTCAGATGAAGACCCAAGGCATAAGGTTGGGAAAACACC 2760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3116 AATGGAGATGGCCTCTGCTGACTCAGATGAGACCCAAGGCATAAGGTTGGGAAAACACC 3175

Qy   2761 TCATTTGACCTTGCCAGCTGACCTTCAAACCCTGCATTTGAACCGACCAACATTAAGTCC 2820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3176 TCATTTGACCTTGCCAGCTGACCTTCAAACCCTGCATTTGAACCGACCAACATTAAGTCC 3235

Qy   2821 AGAGAGTAAACTTGAATGGAATAACGACATTCCAGAAGTTAATCATTTGAATTCTGAACA 2880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3236 AGAGAGTAAACTTGAATGGAATAACGACATTCCAGAAGTTAATCATTTGAATTCTGAACA 3295

Qy   2881 CTGGAGAAAAACCGAAAAATGGACGGGGCATGAAGAGACTAATCATCTGGAAACCGATTT 2940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3296 CTGGAGAAAAACCGAAAAATGGACGGGGCATGAAGAGACTAATCATCTGGAAACCGATTT 3355

Qy   2941 CAGTGGCGATGGCATGACAGAGCTAGAGCTCGGGCCCAGCCCCAGGCTGCAGCCCATTCG 3000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3356 CAGTGGCGATGGCATGACAGAGCTAGAGCTCGGGCCCAGCCCCAGGCTGCAGCCCATTCG 3415

Qy   3001 CAGGCACCCGAAAGAACTTCCCCAGTATGGTGGTCCTGGAAAGGACATTTTTGAAGATCA 3060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3416 CAGGCACCCGAAAGAACTTCCCCAGTATGGTGGTCCTGGAAAGGACATTTTTGAAGATCA 3475

Qy   3061 ACTATATCTTCCTGTGCATTCCGATGGAATTTCAGTTCATCAGATGTTCACCATGGCCAC 3120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3476 ACTATATCTTCCTGTGCATTCCGATGGAATTTCAGTTCATCAGATGTTCACCATGGCCAC 3535

Qy   3121 CGCAGAACACCGAAGTAATTCCAGCATAGCGGGGAAGATGTTGACCAAGGTGGAGAAGAA 3180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3536 CGCAGAACACCGAAGTAATTCCAGCATAGCGGGGAAGATGTTGACCAAGGTGGAGAAGAA 3595

Qy   3181 TCACGAAAAGGAGAAGTCACAGCACCTAGAAGGCAGCGCCTCCTCTTCACTCTCCTCTGA 3240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3596 TCACGAAAAGGAGAAGTCACAGCACCTAGAAGGCAGCGCCTCCTCTTCACTCTCCTCTGA 3655

Qy   3241 TTAGATGAAACTGTTACCTTACCCTAAACACAGTATTTCTTTTTAACTTTTTTATTTGTA 3300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3656 TTAGATGAAACTGTTACCTTACCCTAAACACAGTATTTCTTTTTAACTTTTTTATTTGTA 715

Qy   3301 AACTAATAAAGGTAATCACAGCCACCAACATTCCAAGCTACCCTGGGTACCTTTGTGCAG 3360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3716 AACTAATAAAGGTAATCACAGCCACCAACATTCCAAGCTACCCTGGGTACCTTTGTGCAG 3775

Qy   3361 TAGAAGCTAGTGAGCATGTGAGCAAGCGGTGTGCACACGGAGACTCATCGTTATAATTTA 3420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3776 TAGAAGCTAGTGAGCATGTGAGCAAGCGGTGTGCACACGGAGACTCATCGTTATAATTTA 3835

Qy   3421 CTATCTGCCAAGAGTAGAAAGAAAGGCTGGGGATATTTGGGTTGGCTTGGTTTTGATTTT 3480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3836 CTATCTGCCAAGAGTAGAAAGAAAGGCTGGGGATATTTGGGTTGGCTTGGTTTTGATTTT 3895

Qy   3481 TTGCTTGTTTGTTTGTTTTGTACTAAAACAGTATTATCTTTTGAATATCGTAGGGACATA 3540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3896 TTGCTTGTTTGTTTGTTTTGTACTAAAACAGTATTATCTTTTGAATATCGTAGGGACATA 3955
```

```
Qy   3541 AGTATATACATGTTATCCAATCAAGATGGCTAGAATGGTGCCTTTCTGAGTGTCTAAAAC 3600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3956 AGTATATACATGTTATCCAATCAAGATGGCTAGAATGGTGCCTTTCTGAGTGTCTAAAAC 4015

Qy   3601 TTGACACCCCTGGTAAATCTTTCAACACACTTCCACTGCCTGCGTAATGAAGTTTTGATT 3660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4016 TTGACACCCCTGGTAAATCTTTCAACACACTTCCACTGCCTGCGTAATGAAGTTTTGATT 4075

Qy   3661 CATTTTTAACCACTGGAATTTTTCAATGCCGTCATTTTCAGTTAGATGATTTTGCACTTT 3720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4076 CATTTTTAACCACTGGAATTTTTCAATGCCGTCATTTTCAGTTAGATGATTTTGCACTTT 4135

Qy   3721 GAGATTAAAATGCCATGTCTATTTGATTAGTCTTATTTTTTTATTTTTACAGGCTTATCA 3780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4136 GAGATTAAAATGCCATGTCTATTTGATTAGTCTTATTTTTTTATTTTTACAGGCTTATCA 4195

Qy   3781 GTCTCACTGTTGGCTGTCATTGTGACAAAGTCAAATAAACCCCCAAGGACGACACACAGT 3840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4196 GTCTCACTGTTGGCTGTCATTGTGACAAAGTCAAATAAACCCCCAAGGACGACACACAGT 4255

Qy   3841 ATGGATCACATATTGTTGACATTAAGCTTTTGCCAGAAAATGTTGCATGTGTTTTACCT 3900
          |||||||||||||||||| ||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4256 ATGGATCACATATTGTTTGACATTAAGCTTTTGCCAGAAAATGTTGCATGTGTTTTACCT 4315

Qy   3901 CGACTTGCTAAAATCGATTAGCAGAAAGGCATGGCTAATAATGTTGGTGGTGAAAATAAA 3960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4316 CGACTTGCTAAAATCGATTAGCAGAAAGGCATGGCTAATAATGTTGGTGGTGAAAATAAA 4375

Qy   3961 TAAATAAGTAAACAAAATGAAGATTGCCTGCTCTCTCTGTGCCTAGCCTCAAAGCGTTCA 4020
          ||||||||||||||||::::::|:|::||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4376 TAAATAAGTAAACAAAWRAARAWWGCCTGCTCTCTCTGTGCCTAGCCTCAAAGCGTTCA 4435

Qy   4021 TCATACATCATACCTTTAAGATTGCTATATTTTGGGTTATTTTCTTGACAGGAGAAAAG 4080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4436 TCATACATCATACCTTTAAGATTGCTATATTTTGGGTTATTTTCTTGACAGGAGAAAAG 4495

Qy   4081 ATCTAAAGATCTTTTATTTTCATCTTTTTTGGTTTTCTTGGCATGACTAAGAAGCTTAAA 4140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4496 ATCTAAAGATCTTTTATTTTCATCTTTTTTGGTTTTCTTGGCATGACTAAGAAGCTTAAA 4555

Qy   4141 TGTTGATAAAATATGACTAGTTTTGAATTTACACCAAGAACTTCTCAATAAAAGAAAATC 4200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4556 TGTTGATAAAATATGACTAGTTTTGAATTTACACCAAGAACTTCTCAATAAAAGAAAATC 4615

Qy   4201 ATGAATGCTCCACAATTTCAACATACCACAAGAGAAGTTAATTTCTTAACATTGTGTTCT 4260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4616 ATGAATGCTCCACAATTTCAACATACCACAAGAGAAGTTAATTTCTTAACATTGTGTTCT 4675

Qy   4261 ATGATTATTTGTAAGACCTTCACCAAGTTCTGATATCTTTTAAAGACATAGTTCAAAATT 4320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4676 ATGATTATTTGTAAGACCTTCACCAAGTTCTGATATCTTTTAAAGACATAGTTCAAAATT 4735

Qy   4321 GCTTTTGAAAATCTGTATTCTTGAAAATATCCTTGTTGTGTATTAGGTTTTTAAATACCA 4380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4736 GCTTTTGAAAATCTGTATTCTTGAAAATATCCTTGTTGTGTATTAGGTTTTTAAATACCA 4795

Qy   4381 GCTAAAGGATTACCTCACTGAGTCATCAGTACCCTCCTATTCAGCTCCCAAGATGATGT 4440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4796 GCTAAAGGATTACCTCACTGAGTCATCAGTACCCTCCTATTCAGCTCCCAAGATGATGT 4855
```

```
Qy  4441 GTTTTTGCTTACCCTAAGAGAGGTTTTCTTCTTATTTTTAGATAATTCAAGTGCTTAGAT 4500
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4856 GTTTTTGCTTACCCTAAGAGAGGTTTTCTTCTTATTTTTAGATAATTCAAGTGCTTAGAT 4915

Qy  4501 AAATTATGTTTTCTTTAAGTGTTTATGGTAAACTCTTTTAAAGAAAATTTAATATGTTAT 4560
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4916 AAATTATGTTTTCTTTAAGTGTTTATGGTAAACTCTTTTAAAGAAAATTTAATATGTTAT 4975

Qy  4561 AGCTGAATCTTTTTGGTAACTTTAAATCTTTATCATAGACTCTGTACATATGTTCAAATT 4620
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4976 AGCTGAATCTTTTTGGTAACTTTAAATCTTTATCATAGACTCTGTACATATGTTCAAATT 5035

Qy  4621 AGCTGCTTGCCTGATGTGTGTATCATCGGTGGGATGACAGAACAAACATATTTATGATCA 4680
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5036 AGCTGCTTGCCTGATGTGTGTATCATCGGTGGGATGACAGAACAAACATATTTATGATCA 5095

Qy  4681 TGAATAATGTGCTTTGTAAAAAGATTTCAAGTTATTAGGAAGCATACTCTGTTTTTTAAT 4740
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5096 TGAATAATGTGCTTTGTAAAAAGATTTCAAGTTATTAGGAAGCATACTCTGTTTTTTAAT 5155

Qy  4741 CATGTATAATATTCCATGATACTTTTATAGAACAATTCTGGCTTCAGGAAAGTCTAGAAG 4800
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5156 CATGTATAATATTCCATGATACTTTTATAGAACAATTCTGGCTTCAGGAAAGTCTAGAAG 5215

Qy  4801 CAATATTTCTTCAAATAAAAGGTGTTTAAACTTT 4834
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5216 CAATATTTCTTCAAATAAAAGGTGTTTAAACTTT 5249
```